

厚生労働科学研究費補助金
新興・再興感染症及び予防接種政策推進研究事業
平成 27-29 年度総括研究報告書

「食品由来感染症の病原体情報の解析及び共有化システムの構築に関する研究」

研究代表者 泉谷秀昌 国立感染症研究所細菌第一部第二室長

研究要旨：

食品由来感染症における原因物質である細菌やウイルスが保有する病原体情報、すなわち分子疫学解析から得られる遺伝子情報は、疫学情報とともに、流行株を把握し、感染源を究明し、感染拡大を阻止する上で重要である。実際の感染症対策および施策にあたっては当該病原体情報を効率よく効果的に共有することが肝要である。腸管出血性大腸菌 (EHEC) に関し、パルスフィールドゲル電気泳動 (PFGE)、IS-printing system (ISPS) および multilocus variable-number tandem-repeat analysis (MLVA) の各解析法について検討、データベースの構築、精度評価などを行った。現在地方衛生研究所 (地衛研) において最も活用されている方法は ISPS であった。精度管理の実施から判定に影響するエキストラバンドの存在が明らかとなった。判定補助のため、エキストラバンド泳動像に係る情報をハンドブックとしてとりまとめた。MLVA については、3 年前に比べて実施する地衛研が多少増加傾向にあった。上記 3 手法からの病原体情報は、各地域もしくは全国的な広域株の把握、集団事例への対応などに活用された。広域株に関する情報共有は電子メールによる回覧および食中毒調査システム NESFD 掲示板など活用した。

ウイルスでは、CaliciWeb から発展させた下痢症ウイルス分子疫学データベースツールである、GatVirusWeb (GVW) の改良、安定稼働を推し進めた。これまでに約 10 万件超のデータを収集、DDBJ 等データバンクからのサブデータバンクを構築した。NoroNet へのリンクを通じて Norovirus typing tool の活用を可能とした。ロタウイルス RNA-PAGE による新規解析法、自動判定ソフトウェアを開発した。同システムをウェブ上で稼働させる MultiNAWeb を構築した。

研究分担者

グループ 1：

熊谷優子 (秋田県健康環境センター)
甲斐明美・平井昭彦 (東京都健康安全研究センター)
鈴木匡弘・松本昌門 (愛知県衛生研究所)

勢戸和子 (大阪健康安全基盤研究所)
中嶋洋・河合央博 (岡山県環境保健センター)
世良暢之 (福岡県保健環境研究所)
伊豫田淳 (国立感染症研究所)
研究協力者：大西 真、石原朋子、李謙一

(国立感染症研究所) および各地方衛生研究所等関係者 (各研究分担報告書を参照) グループ 2 :

片山和彦 (北里大学)

三瀬敬治 (札幌医科大学)

A. 研究目的

食品由来感染症において、細菌では腸管出血性大腸菌 (EHEC) などが、ウイルスではノロウイルスなどが毎年流行を繰り返している。これらの病原体には多様なバリエーションが存在し、その流行型は毎年変化している。本研究では分子疫学解析の開発・評価・精度管理、当該解析法に基づく病原体情報の収集およびデータベース化、ならびに当該病原体情報の効率的、効果的な共有化を行うためのシステムの開発を柱としている。本研究によって流行株の把握、ならびに広域事例における感染源の究明及び感染拡大の防止に貢献することを目指している。

B. 研究方法

対象となる病原体別に本研究班を 1)細菌、2)ウイルスの二グループに分け、それぞれの班を中心に病原体検査法の開発、評価及びネットワークの構築を行う。各グループでの研究方法について以下に述べる。

1)細菌グループ ; a) 日本全国の地方衛生研究所 (地研) を 6 ブロックに分け、各ブロック内の地研で分離菌株 (腸管出血性大腸菌 0157 等) に対する PFGE 解析及び 0157 については IS-printing system (ISPS) の精度管理を継続した。b) 平成 21 年度に立ち上げた BioNumerics サーバーの環境整備を継続した。c) EHEC 0157 の ISPS オンラインデータベースに関しては、平成 23 年度

より厚生労働科学研究事業で構築してきたデータベースを基盤に、サーバーの改修、データの拡充を行った。d) 分担研究者の統括ブロックにおいて、発生事例に応用した PFGE 或いは IS 法によるデータベース構築を検討もしくは継続した。さらに、データベースを活用して集団発生事例等に対応した。e) EHEC 0157、026、0111 に関して multilocus variable-number tandem-repeat analysis (MLVA) による解析の運用を検討した。平成 29 年度はさらに 0103、0121、0145、0165、091 の 5 血清群を追加した。f) PFGE、ISPS、MLVA 法で得られた結果を迅速に共有するため、電子メール配信および食中毒調査システム (NESFD) 掲示板を使用した。g) EHEC 分子疫学解析の手法について、地衛研における実施状況を把握するためのアンケートを実施した。

2)ウイルスグループ ;

共同研究者より提供されたユニークな RNA-PAGE パターンを示したロタウイルス陽性便検体を用いた。便検体から 10%PBS 懸濁液を調製し、TRIzol LS Reagent (Life technologies) および Direct-zol RNA MiniPrep Kit (ZYMO Research) を使用してウイルス RNA の抽出を行った。マイクロチップ電気泳動装置 MultiNA における泳動は、DNA500 ポリマーキットを用いて行った。得られたバンドパターンの画像と electrophoregram (泳動波形とピーク位置が示されたグラフ) の蓄積を行った。すべての検体について、次世代シーケンスシステムを用いたウイルスゲノムの塩基配列解析を行い、遺伝子型を決定してパターンライブラリーに蓄積した。相関値の算出は、

泳動パターンの長鎖部分（上部）、中鎖部分（中部）、短鎖部分（下部）に分け、electrophoregramのフィッティング処理を行った後、その相関係数をそれぞれ算出した。

最終年度のβテストは、研究協力者の所有するロタウイルス陽性便検体を用いてMultiNAとバンドパターンによる流行株分類法を検証した。検体は、A地域より22検体、B地域より9検体、C地域より20検体の合計51検体を用いてβテストを行った。便検体から10%PBS懸濁液を調製し、TRIzol・LS Reagent (Life technologies) およびDirect-zol RNA MiniPrep Kit (ZYMO Research) を使用してウイルスRNAの抽出を行った。マイクロチップ電気泳動装置MultiNAにおける泳動は、DNA500ポリマーキットを用いて行った。得られたバンドパターンの画像を昨年度構築したソフトウェアに転送し、型判別を行った。

オンライン下痢症ウイルスデータベース (GatVirusWeb) の構築、改良及び維持管理を行う。世界3大遺伝子データベース (NCBI、EMBL、DDBJ) 上に登録された下痢症ウイルスの塩基配列に関するサブデータベースをサーバー内部に構築し、システムの改善を図る。新規に開発されるロタウイルス遺伝子型分類ソフトウェアを搭載する。

C. 研究結果

細菌グループ；

1. 感染研における研究

平成21年度から開始したBioNumerics (BN) serverによるオンラインシステムのデータベースの継続的な運用を行った。平成23年度から構築を始めたIS-printing

system (ISPS) データベースについてはサーバー改修などの作業を進めながらデータベースの維持拡充を行った。平成26年度から運用を開始したMultilocus variable-number tandem repeat analysis (MLVA) 法についてはin houseデータベースの構築を行った。平成28年度までは0157、026、0111の主要3血清群について、平成29年度はさらに0103、0121、0145、0165、091の5血清群を追加した。上記システムを活用し、ブロック代表研究分担者を通じた情報収集ならびに電子メールによる回覧、食中毒調査支援システム (NESFD) を活用した情報共有を行った。本研究の病原体情報の解析から、集団発生事例関連株によるクラスター形成、広域に検出される遺伝子型すなわち広域型の発生状況、ならびに共通の感染源が示唆される同一もしくは類似の遺伝子型を示す菌株のクラスターの存在が明らかとなった。

2. 北海道・東北・新潟ブロック

平成27年度から平成29年度の3年間、北海道・東北・新潟ブロック内の地方衛生研究所11施設において、分子疫学的解析手法の検査精度向上と病原体情報の共有化システム構築を目的として腸管出血性大腸菌 (EHEC) 0157のISPSについて精度管理を実施した。秋田県で分離された菌株から毎年DNA溶液4種類を作製し、それを共通検体とした精度管理の結果は、いずれの施設も全体的には良好な電気泳動像が得られた。しかし、一部にはエキストラバンドの判定等に苦慮した施設もあった。施設における検査担当者の変更も頻繁にあり、検査精度を一定に保つためには技術の確実な伝承と精度管理による評価がとても重要であると

考えられた。また、ブロック内での情報共有システム構築の基礎的検討として、平成 28 年度は各施設で分離された散発事例の株、平成 29 年度は 0157 VT2 タイプの菌株の IS-Printing System による結果 (IS コード) を集積し発生パターンを調査した。秋田県においては、事例の発生の際、迅速に IS-Printing System の結果を行政へ情報提供を行う体制を構築し、平成 28 年度には冷凍メンチカツを感染源とする事例の隣県との情報共有に役立った。平成 29 年度には関東を中心に発生した 0157 VT2 タイプの IS コードと秋田県内において発生した事例の IS コードを比較し、所轄の保健所を含めた関連行政部署と連携体制の構築を検討した。

3. 関東・甲・信・静岡ブロック

異なる施設で解析した結果を相互に比較するためには、各施設の検査・解析レベルが一定以上であることが重要なことから、腸管出血性大腸菌 0157 共通菌株を用いた分子疫学解析法の精度管理を行い、各施設の技術レベルと信頼性向上を図った。PFGE 法、ISPS および MLVA 法について実施した結果、すべての施設で良好な結果であった。

0157 の 230 株を PFGE 法と ISPS で解析した結果、両法の型別能はほぼ同等と考えられた。

ISPS の実践的プロトコールを作成すると共に、地方衛生研究所全国協議会で作成した腸管出血性大腸菌 MLVA ハンドブックについて、執筆協力を行った。また、当該協議会で実施した MLVA 法技術研修会へ、講師および研修生として参加し、MLVA 法普及を目指した。

アンケート調査を実施した結果、各施設

では分子疫学解析を行政活用した事例を数多く経験しており、他施設との共同により広域事例を明らかにした事例も多くあることが判明した。また関東ブロックの研究協力施設では、すべての施設が PFGE 法と ISPS を実施しており、MLVA 法については実施施設数が年々増加していることが判明した。

【病原体情報の疫学調査への活用例の報告：千葉県、東京都、横浜市】

4. 東海・北陸ブロック

東海・北陸地方 11 施設 (地方衛生研究所、及び衛生試験所、以下各地研) において、

1. 分子疫学解析法として PFGE、IS-printing system、MLVA の実施状況調査、
 2. IS-printing 精度管理、
 3. 地域共有データベース構築を行い、分子疫学解析の解析精度を高めると共に、地域間でのスムーズな情報共有により、diffuse outbreak などの公衆衛生上の脅威を迅速に把握するシステムの構築を目指した。平成 27 年度は、
- 1) 分子疫学解析の実施状況調査：PFGE 及び IS-printing は outbreak 発生時の分子疫学解析として実施されている。従って IS-printing によるデータ共有は可能と考えられる。しかし、MLVA については一部の地研が実施しているにとどまり、MLVA による地域データベース作成は困難であると考えられた。
 - 2) IS-printing 精度管理：過半数の地研で非特異バンドの誤判定または *hly* の増幅不良が見られた。安定した結果が得られるよう、情報提供などが必要である。
 - 3) 地域共有データベース：クラウド型データベースを用いた IS-printing の情報共有を試みた。データベースの活用法など啓蒙活動が必要である。平成 28 年度は、1)

分子疫学解析の実施状況調査：PFGE 及び IS-printing は outbreak 発生時の分子疫学解析として実施されている。従って IS-printing によるデータ共有は可能と考えられる。しかし、MLVA については一部の地研が実施しているにとどまり、MLVA による地域データベース作成は困難であると考えられた。2) IS-printing 精度管理：すべての地研から予定どおりの IS-printing 型が得られた。昨年度多く見られた *hly* の増幅不良は見られなかった。今年度の精度管理サンプルを昨年度使用した IS-printing 試薬のロットで試験したところ、*hly* の増幅が悪く、ロット間差によるものとみられた。3) 地域共有データベース：クラウド型データベースを用いた IS-printing の情報共有を試みた。データベースの活用法など啓蒙活動が必要である。平成 29 年度は、1) IS-printing 精度管理：最も多く認められた誤りは検体①の IS-PS 1-2 と 1-3 の間に出現するエキストラバンドで、5 施設で 1-3 (+) と解釈していた。今回の検体は DNA 量が通常の倍量であったため、全体にバンドが太くスミアとなり 4 検体でバンドの有無の確認が困難であった施設があった。また、*hlyA* のバンドが確認できなかった施設があった。これは試薬のロットによる増幅効率の違いが強く示唆された。今後、ブロック内の研修会等でフィードバックを行いたい。2) 地域共有データベース：4 月から運用開始され、腸管出血性大腸菌シーズンをカバーすることができた。平成 29 年度は過去 2 年間に比べより多くの株数が登録された。今後、データベースの活用法など啓蒙活動が必要であると思われる。クラウドデータベースによる情報共有は、データ登

録さえすれば、瞬時にデータ共有でき、管理者の負担が少ないメリットもあることから、今後の情報共有ツールとして重要であると考えられた。

5. 近畿ブロック

地方衛生研究所（地衛研）で必要性が高いと考えられる腸管出血性大腸菌（EHEC）0157 の分子疫学解析について、近畿ブロック内で共通の遺伝子型別法を使用するため、IS-printing System 法および PFGE 法の精度管理を実施した。また、EHEC 0157 の発生状況や流行菌型を迅速に把握するため、近畿 IS データベースの充実と活用を図った。ISPS は、誤判定がみられた年もあったが、精度管理の実施およびエキストラバンド集の情報集約により、エキストラバンド増幅の存在を認識し慎重に判定することを徹底できた。近畿 IS データベースには 3 年間で 769 株の登録があった。分離年に特徴的で関連性が強く示唆されるタイプがある一方で、毎年 10 株以上登録されるような IS 型もみられた。同一タイプの集積時には、疫学情報や詳細な遺伝子型別結果を情報交換することが重要である。PFGE 法は、実施経験の少ない施設で、バンドが不明瞭あるいは未消化バンドが残るなど自動バンド認識が困難な場合があり、技術的な課題が残った。IS 法よりも解析能力が高く、PFGE 法よりも技術的要因の影響が少ないと考えられる MLVA 法について、地衛研への導入を検討すべきである。

6. 中国四国ブロック

食品由来感染症の分子疫学解析手法について、分子疫学解析結果を用いたデータベース構築や広域事例発生時の活用に向け、平成 27 年度から 29 年度に、中四国ブロッ

クの地方衛生研究所を対象に、腸管出血性大腸菌 0157 株を用いて、ISPS、PFGE 法、及び MLVA 法による精度管理を実施した。ISPS では、多くの施設で良好な結果が得られたが、一部の施設で誤判定が見られた。これらはバンド位置の確認ミス（本来検出されるバンドとエキストラバンドの異同判定ミス）や低分子量側のバンドが薄くなりバンドの見落とし等が多かった。PFGE 法でも、多くの施設で良好な結果が得られたが、一部でスメアとなり解析不能となったところや、低分子量側のバンドが不明瞭となったところがあった。デンドログラム解析では、検査実施者によるバンド位置指定の差等により、施設間で類似度の順序が異なる傾向が見られた。ISPS 及び PFGE 法は、鮮明で判別可能な泳動像が得られるように技術を習得・維持し、慎重な解析が必要であると思われた。また、MLVA 法では、毎年、一部の施設でリピート数が異なる遺伝子座が見られ、今後、その要因を解明するとともに、一層の精度向上の必要性を感じた。また、中四国地域の EHEC 感染事例について分子疫学解析結果等疫学情報を収集して解析を行った。複数の県で同一の分子疫学解析結果となる菌株が毎年検出されたが、疫学情報が少なくそれらの事例間の疫学的な関連性は、ほとんどが不明であった。有意義に活用できるデータベースを構築するには、精度の高い分子疫学解析結果だけでなく、有益な疫学情報をいかに取り込むか検討することも今後の課題と思われる。

7. 九州ブロック

九州地区では、1. ISPS による IS 型別データベースの運用、2. EHEC 検出状況の解析、3. EHEC による集団発生事例の集約、4.

精度管理及び 5. ISPS で発生したエキストラバンド情報の集約の 5 項目について取り組んだ。

九州地区における EHEC 0157 の IS 型別の登録数は平成 30 年 2 月 14 日現在で 1731 件（平成 22 年度 312 件、平成 23 年度 229 件、平成 24 年度 229 件、平成 25 年度 224 件、平成 26 年度 206 件、平成 27 年度 204 件、平成 28 年度 199 件及び平成 29 年度 128 件）であり、毎年 200 件前後の登録で推移していたが、平成 29 年度は EHEC 0157 の検出数が少なかったため減少した。九州地区で平成 27～29 年度に収集された EHEC は 1338 株であった。その内訳は、EHEC 0157 が 606 株、EHEC 非 0157 が 700 株及び血清型別不能が 32 株であった。九州地区は EHEC 非 0157 の占める比率が 54.7%であり、本研究で EHEC 0157 に加えて非 0157 の情報収集にも積極的に取り組んでいる成果が現れているものと思われた。平成 27～29 年度の 3 年間の EHEC による集団発生事例は 33 事例であった。その内訳は、EHEC 0157 によるものが 15 事例で、非 0157 によるものは 18 事例であった。集団発生事例は、保育所など、従来から多発している施設での事例が多い傾向は変わらなかった。精度管理は ISPS 及び PFGE について実施した。ISPS では、エキストラバンドがある菌株では誤判定も見られた。PFGE では泳動は概ね良好に行われていたが、一部、制限酵素処理が不十分な事例が認められた。また、平成 29 年度の精度管理において、菌株を輸送中又は保存中に変異したと考えられる事案が発生した。今後、精度管理に使用する菌株は、より慎重に選定する必要があると考えられた。

8. ブロックアンケート結果

EHEC の分子疫学解析手法 PFGE、ISPS および MLVA について各地衛研での実施状況をアンケート形式で情報収集した。PFGE 実施率は 83% で、このうち (ほぼ) 全株試験している地衛研は 15% であった。同様に、ISPS 実施率は 83% (うち全株試験は 61%)、MLVA 実施率は 20% (うち全株試験は 38%) であった。回答総数が 68 から 81 となり、各手法において若干の増減が見られた。MLVA 法は実施率でも実施機関数でも若干の増加が見られた (それぞれ 15→20%、10→16 機関)。

9. ISPS エキストラバンド集

EHEC 0157 の ISPS においてはエキストラバンドが判定に影響を与えることがある。各ブロックでの精度管理試験においてもエキストラバンドによって異なる判定結果を得ることが明らかとなった。各ブロック研究分担者および研究協力者からエキストラバンドに係る泳動像を収集し、「腸管出血性大腸菌 0157 IS-printing system エキストラバンド集」を作成した。本ハンドブックは 113 の泳動像を含む。

ウイルスグループ；

ロタウイルス (RV) は二本鎖 RNA で構成される 11 本の遺伝子分節をゲノムとして有する。RV 感染患者の便検体から抽出した RNA をポリアクリルアミドゲルで電気泳動 (RNA-PAGE) すると、その分子量や二次構造の違いにより各分節を分離・検出することが可能である。この泳動パターンは遺伝子型や株によって異なるため、検体間のウイルスの類似性を推定する事も可能である。我々の保有する検体を用いて、RNA-PAGE のバンドパターンとそれらの遺伝子型との関連性について検討を行ったところ、VP2、VP3、

VP6、VP7、NSP1、NSP2、NSP3、NSP5 の各遺伝子分節において遺伝子型とバンドパターンに明確な関連性が認められた。島津社製マイクロチップ電気泳動装置 MultiNA の RNA-PAGE によるパターン分類プログラムを開発し、RV 流行株を広範かつ簡便に調査するシステムを構築した。最終年度には、完成したマイクロチップ電気泳動装置 MultiNA によるロタウイルス遺伝子型判定プログラムの β テストを実施した。

ロタウイルス遺伝子データベースおよび遺伝子型判定システムを CaliciWeb に加え、新たに GatVirusWeb として運用するべく Web site の構築、維持、開発を行った。具体的には、これまで運用してきたカリシウイルスデータベース&配列検索システムを新サーバーシステムに移行した。これにより、NoroNet norovirus genotyping system へのリンク追加後の、データ量の急増と操作速度向上を実現した。さらにロタウイルスでは、MultiNA 泳動パターンフィッティング解析によって算出される相関係数を用いた株分類ソフトの搭載を実現し、本システムの β テストを開始した。

D. 考察

食品由来感染症の病因物質である細菌やウイルスの病原体情報、すなわち分子疫学解析によって得られる遺伝子等の情報は、患者の疫学情報とともに、感染原因究の明や感染拡大の阻止などの感染症対策を講じるために重要な要素である。

分子疫学解析による得られた病原体情報を具体的な対策に結び付けるために、当該病原体情報を共有化することも重要な工程の一つである。

本研究班においては closed network 上に病原体情報のデータベースを利用するシステム、すなわちウイルスでは GatVirusWeb、細菌ではパルスネットの構築および運用を進めた。また、細菌グループではより迅速かつ積極的に病原体情報を共有すべく、電子メールおよび NESFD 掲示板等などのルートも情報共有のあり方の一つとして推し進めた。今後もこれらの情報共有システムを継続的に運用し、システムの上昇につなげることが重要である。

平成 27-29 年度において病原体情報から全国および各ブロックならびに各自治体において流行把握ならびに食中毒および行政指導などの行政対応に結び付いた事例が多数報告された。報告には単独の自治体による事例、複数の自治体にまたがる事例など、様々な事例が含まれた。

事例対応については日頃からの検査体制および病原体情報の共有化システムの整備があつて初めて可能となるため、継続的な運用が必要である。

解析手法のアンケートから、現在 EHEC 0157 の解析において ISPS が重要な位置を占めていることが示唆された。一方で、各ブロックにおける精度管理の結果から泳動像の判定、エキストラバンドの取り扱いなどに関して、問題点も指摘された。ISPS について泳動像の判定精度を向上・維持するため、エキストラバンド集を作成した。今後本ハンドブックが活用されエキストラバンドに関する理解と結果判定の安定化につながる事が期待される。

地衛研では担当者の交代も頻繁にあるため、解析技術の精度維持は病原体情報ネットワークの構築に不可欠な要素である。そのた

めには、本研究のような継続した精度管理の運用が必要と考えられる。

MVLA を導入したことでよりリアルタイムに近いサーベイランスが可能になりつつある。MLVA は ISPS と同様、結果がデジタル形式なので情報共有がしやすい。平成 29 年 11 月の食品衛生分科会では EHEC 解析手法として MLVA が取り上げられた。本研究のアンケートでも MLVA の実施率には上昇が見られた。いくつかの地衛研においては MLVA が実施されており、今後感染研の結果と照合するとともに、データをやり取りすることで病原体情報の収集ならびに共有化が一層早められることが期待される。

一方で、類似株をまとめた MLVA コンプレックスが複雑なものもあった。地域別、型別の検出状況の整理を行ったが、情報提供の仕方については今後も検討の余地があると考ええる。

ロタウイルス RNA-PAGE は迅速かつ簡便な新規解析システムである。本解析法は糞便から直接かつ迅速に泳動パターンを取得し、細菌の分子疫学解析における PFGE 法のように泳動パターンを比較することでデータベース化を図れる手法である。MultiNA を用いることで泳動パターンの安定化およびラボ間アッセイを可能にした。泳動パターンの解析ソフトウェアを開発し、基準泳動パターンをデータベースに登録することで実用レベルの正答率を実現した。

ノロウイルス、サポウイルスなどのカリシウイルスに特化した CaliciWeb から、他の下痢症ウイルス情報も統合した GatVirusWeb の構築を進めた。世界 3 大データベースから下痢症ウイルスに関する塩基配列データを自動取得し、サブデータベースを構築するシ

システムを開発した。2017年12月現在10万以上のデータを収集した。NoroNetとのリンクを通じて収集した遺伝子配列の解析も可能とした。

上記ロタウイルスRNA-PAGE法による解析システムをウェブ上に構築しMiltiNA Webとしてβテストを行った。本システムの稼働により、ロタウイルスワクチン導入による流行型の変化等の調査に資することが期待される。

E. 結論

病原体情報取得のための技術開発、データの蓄積ならびに情報の共有は感染症対策において必須である。

EHEC感染症においては病原体の解析手法も主要な3種類の技術(PFGE、ISPS、MLVA法)を含めて多様化してきており、それぞれの分解能、利便性、迅速性等の特徴を把握することは、病原体情報の事例対応への活用重要である。

よりリアルタイムに近い事例探知および解析に向けて、その精度を確保すべく精度管理およびそれに基づくデータベースの構築、さらに効果的な情報共有が重要である。情報共有のあり方も含め、各々の解析手法に係る各工程において検討および改善を図っていくことが重要である。

ウイルスのGatVirusWeb(前CaliciWeb)では、データベースの環境整備、操作性の向上、データキャパシティの大幅な上昇を達成した。NoroNetとのリンクにより、Norovirus typing toolの利用が可能となった。

ロタウイルス解析システムを実装し、MultiNA Webとしてβテストを開始した。

当該ロタウイルス株分別法は、異なる施設間における結果も安定している。異なる地域で流行しているロタウイルスが同じか異なるかを、泳動パターンをサーバーに送るだけである程度判別可能となった。ハードルの高かったロタウイルスの全ゲノムセグメントを対象とした分子疫学の底上げにつながる。また、今まで検出不可能であった食中毒事件の原因に成り得るC群ロタウイルスの検出と鑑別にも対応可能な本システムの有用性は高い。

F. 健康危険情報

特記事項なし

G. 研究発表

1. 誌上発表

1. Nguyen VH, Pham HT, Diep TT, Phan CD, Nguyen TQ, Nguyen NT, Ngo TC, Nguyen TV, DO QK, Phan HC, Nguyen BM, Ehara M, Ohnishi M, Yamashiro T, Nguyen LT, Izumiya H. *Vibrio cholerae* O1 El Tor from southern Vietnam in 2010 was molecularly distinct from that present from 1999 to 2004. *Epidemiol Infect.* 2016 Apr;144(6):1241-7.
2. 泉谷秀昌、石原朋子、伊豫田淳、大西真：2014年に分離された腸管出血性大腸菌0157、026および0111株のMLVA解析について。IASR、第36巻、83-84、2015年5月
3. Nguyen DT, Ngo TC, Le TH, Nguyen HT, Morita M, Arakawa E, Ohnishi M, Nguyen BM, Izumiya H. Molecular epidemiology of *Vibrio cholerae* O1 in northern Vietnam (2007-2009), using multilocus variable-number

- tandem repeat analysis. J Med Microbiol. 2016 Sep;65(9):1007-12.
4. 泉谷秀昌、黒木俊郎、林賢一、齊藤志保子、八柳潤、今野貴之、大西真：
Salmonella enterica subsp. *enterica* serovar 4:b:-株の解析。日本感染症学雑誌、第90巻、652-656、2016年
 5. 泉谷秀昌、石原朋子、伊豫田淳、大西真：2015年に分離された腸管出血性大腸菌0157、026および0111株のMLVA解析について。IASR、第37巻、93-95、2016年5月
 6. 泉谷秀昌、石原朋子、李謙一、伊豫田淳、大西真：2016年に分離された腸管出血性大腸菌0157、026および0111株のMLVA法による解析。IASR、第38巻、100-101、2017年5月
 7. 石原朋子、伊豫田淳、泉谷秀昌、大西真：腸管出血性大腸菌 non-0157/026/0111広域感染事例の分子疫学解析、2016年。IASR、第38巻、101-102、2017年5月
 8. 李謙一、石原朋子、泉谷秀昌、伊豫田淳、大西真：全ゲノム配列解析を用いた腸管出血性大腸菌の分子疫学解析。化学療法の領域、第33巻第7号、1467-1471、2017年7月
 9. 市川健介、小西典子、甲斐明美他：生サラダが原因と推定されたチフス菌による食中毒事例—東京都、ISAR、第36巻、162-163、2015
 10. Shinichiro Hirai, Eiji Yokoyama, Taku Wakui, Taichiro Ishige, Masaki Nakamura：Enterohemorrhagic *Escherichia coli* 0157 subclade 8b strains in Chiba Prefecture, Japan, produced larger amounts of Shiga toxin 2 than strains in subclade 8a and other clades. PLOS ONE. 2018. 13(1): e0191834.
 11. Kayali AY, Escalante-Maldonado O, Uddhakul V, Seto K, Nakaguchi Y, Nishibuchi M: Development of a method for detection of Shigatoxin-producing *Escherichia coli* belonging to clinically important twelve O serotypes based on the combination of PickPen-assisted immuno-magnetic separation and loop-mediated isothermal amplification. Int. J. Immunol. Immunother. 2015, 2:1.
 12. Harada T, Iguchi A, Iyoda S, Seto K, Taguchi M, Kumeda Y: Multiplex real-time PCR assays for screening of Shiga toxin 1 and 2 genes, including all known subtypes, and *Escherichia coli* 026-, 0111-, and 0157-specific genes in beef and sprout enrichment cultures. J. Food Prot. 2015, 78: 1800-1811.
 13. Kawahara R, Seto K, Taguchi M, Nakajima C, Kumeda Y, Suzuki Y: Characterization of third-generation-cephalosporin-resistant Shiga toxin-producing strains of *Escherichia coli* 0157:H7 in Japan. J. Clin. Microbiol. 2015, 53:3035-3038.
 14. Iguchi A, Iyoda S, Seto K, Nishii H, Ohnishi M, Mekata H, Ogura Y, Hayashi T: Six novel O genotypes from Shiga

- toxin-producing *Escherichia coli*.
Front. Microbiol. 2016, 7:765.
15. Ogura Y, Gotoh Y, Itoh T, Sato MP, Seto K, Yoshino S, Isobe J, Etoh Y, Kurogi M, Kimata K, Maeda E, Piérard D, Kusumoto M, Akiba M, Tominaga K, Kirino Y, Kato Y, Shirahige K, Ooka T, Ishijima N, Lee KI, Iyoda S, Mainil JG, Hayashi T: Population structure of *Escherichia coli* O26 : H11 with recent and repeated stx2 acquisition in multiple lineages. Microbial Genomics 2017, 3.
 16. 四宮博人, 勢戸和子, 川瀬遵, 有川健太郎, 船渡川圭次, 鈴木匡弘, 久保田寛顕, 調恒明: 地方衛生研究所における細菌学的検査・研究の最新事情. 日本細菌学雑誌 2015, 70:309-318.
 17. 勢戸和子, 原田哲也, 田口真澄, 河原隆二, 久米田裕子, 田邊純子, 福田弘美, 中村寛海, 松原弘明, 泉谷秀昌: 近畿の飲食チェーン店で発生した食中毒が疑われる腸管出血性大腸菌O157事例. 病原微生物検出情報 2016, 37:89-90.
 18. 上野詩歩子, 黒岩祥子, 若松倫子, 熊本サチ子, 永岡貴美子, 長岡章次, 寺松孝二, 畔野征子, 梅崎みどり, 吉田まり子, 松尾美智代, 濱崎光宏, 中山志幸, 世良暢之; 保育所で発生した腸管出血性大腸菌O26 : H11による集団感染事例-福岡県. 病原微生物検出情報 2017, 38: 148-149.
 19. 吉田弘, 高橋雅輝, 濱崎光宏, 山下育孝, 四宮博人, 山下照夫, 皆川洋子, 岸本剛, 調恒明; エンテロウイルス検査の信頼性確保について. 病原微生物検出情報 2017, 38: 199-200.
 20. Nagasawa K, Matsushima Y, Motoya T, Mizukoshi F, Ueki Y, Sakon N, Murakami K, Shimizu T, Okabe N, Nagata N, Shirabe K, Shinomiya H, Suzuki W, Kuroda M, Sekizuka T, Suzuki Y, Ryo A, Fujita K, Onishi K, Katayama K, Kimura H. Genetic Analysis of Human Norovirus Strains in Japan in 2016-2017. Front Microbiol. 2018 Jan 18;9:1.
 21. Motoya T, Nagasawa K, Matsushima Y, Nagata N, Ryo A, Sekizuka T, Yamashita A, Kuroda M, Morita Y, Suzuki Y, Sasaki N, Katayama K, Kimura H. Molecular Evolution of the VP1 Gene in Human Norovirus GII.4 Variants in 1974-2015. Front Microbiol. 2017 Dec 5;8:2399.
 22. Nagasawa K, Matsushima Y, Motoya T, Mizukoshi F, Ueki Y, Sakon N, Murakami K, Shimizu T, Okabe N, Nagata N, Shirabe K, Shinomiya H, Suzuki W, Kuroda M, Sekizuka T, Ryo A, Fujita K, Oishi K, Katayama K, Kimura H. Phylogeny and Immunoreactivity of Norovirus GII.P16-GII.2, Japan, Winter 2016-17. Emerg Infect Dis. 2018 Jan;24(1):144-148.
 23. Kuroda M, Masuda T, Ito M, Naoi Y, Doan YH, Haga K, Tsuchiaka S, Kishimoto M, Sano K, Omatsu T, Katayama Y, Oba M, Aoki H, Ichimaru

- T, Sunaga F, Mukono I, Yamasato H, Shirai J, Katayama K, Mizutani T, Oka T, Nagai M. Genetic diversity and intergenogroup recombination events of sapoviruses detected from feces of pigs in Japan. *Infect Genet Evol.* 2017 Nov;55:209-217.
24. Utsumi T, Lusida MI, Dinana Z, Wahyuni RM, Yamani LN, Juniastuti, Soetjipto, Matsui C, Deng L, Abe T, Doan YH, Fujii Y, Kimura H, Katayama K, Shoji I. Occurrence of norovirus infection in an asymptomatic population in Indonesia. *Infect Genet Evol.* 2017 Nov;55:1-7.
 25. Doan YH, Suzuki Y, Fujii Y, Haga K, Fujimoto A, Takai-Todaka R, Someya Y, Nayak MK, Mukherjee A, Imamura D, Shinoda S, Chawla-Sarkar M, Katayama K. Complex reassortment events of unusual G9P[4] rotavirus strains in India between 2011 and 2013. *Infect Genet Evol.* 2017 Oct;54:417-428.
 26. Kitamoto T, Takai-Todaka R, Kato A, Kanamori K, Takagi H, Yoshida K, Katayama K, Nakanishi A. Viral population changes during murine norovirus propagation in RAW 264.7 cells *Front Microbiol.* 2017 Jun 15;8:1091.
 27. Kondo K, Tsugawa T, Ono M, Ohara T, Fujibayashi S, Tahara Y, Kubo N, Nakata S, Higashidate Y, Fujii Y, Katayama K, Yoto Y, Tsutsumi H. Clinical and Molecular Characteristics of Human Rotavirus G8P[8] Outbreak Strain, Japan, 2014. *Emerg Infect Dis.* 2017 Jun; 23(6):968-972.
 28. Mizukoshi F, Nagasawa K, Doan YH, Haga K, Yoshizumi S, Ueki Y, Shinohara M, Ishikawa M, Sakon N, Shigemoto N, Okamoto-Nakagawa R, Ochi A, Murakami K, Ryo A, Suzuki Y, Katayama K, Kimura H. Molecular Evolution of the RNA-Dependent RNA Polymerase and Capsid Genes of Human Norovirus Genotype GII.2 in Japan during 2004-2015. *Front Microbiol.* 2017 Apr 25;8:705.
 29. Akagami M, Ito M, Niira K, Kuroda M, Masuda T, Haga K, Tsuchiaka S, Naoi Y, Kishimoto M, Sano K, Omatsu T, Aoki H, Katayama Y, Oba M, Oka T, Ichimaru T, Yamasato H, Ouchi Y, Shirai J, Katayama K, Mizutani T, Nagai M. Complete genome analysis of porcine kobuviruses from the feces of pigs in Japan. *Virus Genes.* 2017 Aug;53(4):593-602.
 30. Sato H, Yokoyama M, Nakamura H, Oka T, Katayama K, Takeda N, Noda M, Tanaka T, Motomura K. Evolutionary Constraints on the Norovirus Pandemic Variant GII.4_2006b over the Five-Year Persistence in Japan. *Front Microbiol.* 2017 Mar 13;8:410.
 31. Ito M, Kuroda M, Masuda T, Akagami M, Haga K, Tsuchiaka S, Kishimoto M, Naoi Y, Sano K, Omatsu T, Katayama Y, Oba M, Aoki H, Ichimaru T, Mukono I, Ouchi Y, Yamasato H, Shirai J,

- Katayama K, Mizutani T, Nagai M. Whole genome analysis of porcine astroviruses detected in Japanese pigs reveals genetic diversity and possible intra-genotypic recombination. *Infect Genet Evol.* 2017 Jun;50:38-48.
32. Hayashi-Miyamoto M, Murakami T, Minami-Fukuda F, Tsuchiaka S, Kishimoto M, Sano K, Naoi Y, Asano K, Ichimaru T, Haga K, Omatsu T, Katayama Y, Oba M, Aoki H, Shirai J, Ishida M, Katayama K, Mizutani T, Nagai M. Diversity in VP3, NSP3, and NSP4 of rotavirus B detected from Japanese cattle. *Infect Genet Evol.* 2017 Apr;49:97-103.
33. Matsushima Y, Shimizu T, Ishikawa M, Komane A, Okabe N, Ryo A, Kimura H, Katayama K, Shimizu H. Complete Genome Sequence of a Recombinant GII.P16-GII.4 Norovirus Detected in Kawasaki City, Japan, in 2016. *Genome Announc.* 2016 Oct 6;4(5). pii: e01099-16.
34. Sano K, Naoi Y, Kishimoto M, Masuda T, Tanabe H, Ito M, Niira K, Haga K, Asano K, Tsuchiaka S, Omatsu T, Furuya T, Katayama Y, Oba M, Ouchi Y, Yamasato H, Ishida M, Shirai J, Katayama K, Mizutani T, Nagai M. Identification of further diversity among posaviruses. *Arch Virol.* 2016 Dec;161(12):3541-3548.
35. Sato J, Miki M, Kubota H, Hitomi J, Tokuda H, Takai-Todaka R and Katayama K. Effects of disinfectants against norovirus virus-like particles predict norovirus inactivation. *Microbiol Immunol* 60, 609-616, 2016.
36. Haga K, Fujimoto A, Takai-Todaka R, Miki M, Doan Y. H, Murakami K, Yokoyama M, Murata M, Nakanishi A, and Katayama K. Functional receptor molecules CD300lf and CD300ld enable murine norovirus to internalize into host cells. *Proc Natl Acad Sci U S A.* Oct 11;113(41):E6248-E6255., 2016.
37. Kobayashi M, Matsushima Y, Motoya T, Sakon N, Shigemoto N, Okamoto-Nakagawa R, Nishimura K, Yamashita Y, Kuroda M, Saruki N, Ryo A, Saraya T, Morita Y, Shirabe K, Ishikawa M, Takahashi T, Shinomiya H, Okabe N, Nawasawa K, Suzuki Y, Katayama K, Kimura H. Molecular evolution of the capsid gene in human norovirus genogroup II. *Sci Rep.* 2016 Jul 7;6:29400.
38. Noguchi A, Ito H, Miura S, Fujii Y, Katayama K, Nakagomi T, Nakagomi O, Takahashi T. Regional variations in the incidence of rotavirus hospitalizations between children living in defined regions of Akita and Kyoto prefectures, Japan. *Jpn J Infect Dis.* 2017 Mar 24;70(2):167-170.
39. Suzuki Y, Doan H. Y., Kimura H, Shinomiya H, Shirabe K, Katayama K. Predicting genotype compositions in

- norovirus seasons in Japan. *Microbiol and Immunol.* 60, 418-426, 2016.
40. Doan HY, Haga K, Fujimoto A, Fujii Y, Takai-Todaka R, Oka T, Kimura H, Yoshizumi S, Shigemoto N, Okamoto-Nakagawa R, Shirabe K, Shinomiya H, Sakon-Tanaka N, and Katayama K. Genetic analysis of human rotavirus C: the appearance of Indian-Bangladeshi strain in Far East Asian countries. *Infect Genet Evol.* 2016 Apr 9;41:160-173.
 41. Ito M, Tsuchiaka S, Naoi Y, Otomaru K, Sato M, Masuda T, Haga K, Oka T, Yamasato H, Omatsu T, Sugimura S, Aoki H, Furuya T, Katayama Y, Oba M, Shirai J, Katayama K, Mizutani T, Nagai M. Whole genome analysis of Japanese bovine toroviruses reveals natural recombination between porcine and bovine toroviruses. *Infect Genet Evol.* 2016 Mar;38:90-5.
 42. Komoto S, Tacharoenmuang R, Guntapong R, Ide T, Haga K, Katayama K, Kato T, Ouchi Y, Kurahashi H, Tsuji T, Sangkitporn S, Taniguchi K. Emergence and Characterization of Unusual DS-1-Like G1P[8] Rotavirus Strains in Children with Diarrhea in Thailand. *PLoS One.* 2015 Nov 5;10(11):e0141739.
 43. Tacharoenmuang R, Komoto S, Guntapong R, Ide T, Haga K, Katayama K, Kato T, Ouchi Y, Kurahashi H, Tsuji T, Sangkitporn S, Taniguchi K. Whole Genomic Analysis of an Unusual Human G6P[14] Rotavirus Strain Isolated from a Child with Diarrhea in Thailand: Evidence for Bovine-To-Human Interspecies Transmission and Reassortment Events. *PLoS One.* 2015 Sep 30;10(9):e0139381.
 44. Otomaru K, Naoi Y, Haga K, Omatsu T, Uto T, Koizumi M, Masuda T, Yamasato H, Takai H, Aoki H, Tsuchiaka S, Sano K, Okazaki S, Katayama Y, Oba M, Furuya T, Shirai J, Katayama K, Mizutani T, Nagai M. Detection of novel kobu-like viruses in Japanese black cattle in Japan. *J Vet Med Sci.* 2016 Feb;78(2):321-4.
 45. Yumiketa Y, Narita T, Inoue Y, Sato G, Kamitani W, Oka T, Katayama K, Sakaguchi T and Tohya Y. Nonstructural protein p39 of feline calicivirus suppresses host innate immune response by preventing IRF-3 activation. *Veterinary Microbiology.* 2016 Mar 15;185:62-7.
 46. Kobayashi M, Yoshizumi S, Kogawa S, Takahashi T, Ueki Y, Shinohara M, Mizukoshi F, Tsukagoshi H, Sasaki Y, Suzuki R, Shimizu H, Iwakiri A, Okabe N, Shirabe K, Shinomiya H, Kozawa K, Kusunoki H, Ryo A, Kuroda M, Katayama K, Kimura H. Molecular Evolution of the Capsid Gene in Norovirus Genogroup I. *Sci Rep.* 2015 Sep 4;5:13806.
 47. Chapellier B, Tange S, Tasaki H,

- Yoshida K, Zhou Y, Sakon N, Katayama K, Nakanishi A. Examination of a plasmid-based reverse genetics system for human astrovirus. *Microbiol Immunol.* 2015 Oct;59(10):586-96.
48. Nagai M, Omatsu T, Aoki H, Kaku Y, Belsham GJ, Haga K, Naoi Y, Sano K, Umetsu M, Shiokawa M, Tsuchiaka S, Furuya T, Okazaki S, Katayama Y, Oba M, Shirai J, Katayama K, Mizutani T. Identification and complete genome analysis of a novel bovine picornavirus in Japan. *Virus Res.* 2015 Aug 7;210:205-212.
49. Matsushima Y, Ishikawa M, Shimizu T, Komane A, Kasuo S, Shinohara M, Nagasawa K, Kimura H, Ryo A, Okabe N, Haga K, Doan HY, Katayama K, Shimizu H. Genetic analyses of GII.17 norovirus strains in diarrheal disease outbreaks from December 2014 to March 2015 in Japan reveal a novel polymerase sequence and amino acid substitutions in the capsid region. *Euro Surveill.* 2015 Jul 2;20(26). pii: 21173.
50. Wu FT, Chen HC, Yen C, Wu CY, Katayama K, Park Y, Hall AJ, Vinjé J, Huang JC, Wu HS. Epidemiology and molecular characteristics of norovirus GII.4 Sydney outbreaks in Taiwan, January 2012-December 2013. *J Med Virol.* 2015 Sep;87(9):1462-70.
51. Ide T, Komoto S, Higo-Moriguchi K, Htun KW, Myint YY, Myat TW, Thant KZ, Thu HM, Win MM, Oo HN, Htut T, Wakuda M, Dennis FE, Haga K, Fujii Y, Katayama K, Rahman S, Nguyen SV, Umeda K, Oguma K, Tsuji T, Taniguchi K. Whole Genomic Analysis of Human G12P[6] and G12P[8] Rotavirus Strains that Have Emerged in Myanmar. *PLoS One.* 2015 May 4;10(5):e0124965.
- 2) 学会発表等**
1. 泉谷秀昌、石原朋子、李謙一、石嶋希、伊豫田淳、大西真：腸管出血性大腸菌の分子疫学解析について(血清群 0157、026、0111 を中心に)。第 36 回日本食品微生物学会学術総会、2015 年 11 月、神奈川県川崎市。
 2. 石原朋子、伊豫田淳、泉谷秀昌、大西真；最近の EHEC の発生動向について 衛生微生物技術協議会第 36 回研究会、仙台、2015
 3. 石原朋子、伊豫田淳、泉谷秀昌、大西真；2015 年の Non-0157/026/0111 腸管出血性大腸菌における分子疫学解析 第 37 回日本食品微生物学会学術総会、東京、2016
 4. 石原朋子、伊豫田淳、泉谷秀昌、李謙一、大西真；2015-2016 年における EHEC 広域 PFGE 型の発生動向 第 20 回腸管出血性大腸菌感染症研究会、富山、2016
 5. 泉谷秀昌、石原朋子、李謙一、石嶋希、伊豫田淳、大西真：2015 年における腸管出血性大腸菌 0157・026・0111 の分

- 子疫学解析。第 37 回日本食品微生物学会学術総会、2016 年 9 月、東京都。
6. 泉谷秀昌：腸管出血性大腸菌の MLVA 解析。平成 28 年度希少感染症診断技術研修会、2017 年 2 月、東京都。
 7. 泉谷秀昌、李謙一、石嶋希、伊豫田淳、大西真：2016 年における腸管出血性大腸菌 O157・026・0111 の分子疫学解析。第 38 回日本食品微生物学会学術総会、2017 年 10 月、徳島県徳島市。
 8. 泉谷秀昌：腸管出血性大腸菌の MLVA 解析について。平成 29 年度 地域保健総合推進事業 腸管出血性大腸菌 MLVA 技術研修会、2017 年 10 月、東京都。
 9. 関口真紀、笠原ひとみ、粕尾しず子、中沢春幸：知的障害者施設においてインフルエンザウイルスおよび肺炎球菌による重複感染が認められた集団事例、第 28 回地方衛生研究所全国協議会関東甲信静支部細菌研究部会、2016 年 2 月、静岡県
 10. 松下明子、倉園貴至、砂押克彦、青木敦子：2015 年に発生した腸管出血性大腸菌 O26 について、第 28 回地方衛生研究所全国協議会関東甲信静支部細菌研究部会、2016 年 2 月、静岡県
 11. 平井晋一郎、横山栄二：腸管出血性大腸菌 O157 の subclade 8a 及び 8b における Stx2 産生性の比較、第 20 回 腸管出血性大腸菌感染症研究会、平成 28 年 11 月、富山県
 12. 平井晋一郎、横山栄二、涌井拓、石毛太一郎、中村正樹、蜂巢友嗣、遠藤幸男、村上覚史：腸管出血性大腸菌 O157 の subclade 8b における高病原性菌株について。第 38 回 日本食品微生物学会学術総会 (2017)
 13. 小西典子、畠山薫、原田幸子、神門幸大、尾畑浩魅、赤瀬悟、森功次、門間千枝、平井昭彦、甲斐明美、貞升健志：遡り調査で明らかとなった VT2f 産生 *Escherichia albertii* による集団事例と散发事例からの検出状況、第 21 回腸管出血性大腸菌感染症研究会、2017、鹿児島県
 14. 勢戸和子、河原隆二、原田哲也、田口真澄：EHEC O157 流行株探知のための近畿 IS データベース活用状況 第 19 回腸管出血性大腸菌感染症研究会 (2015 年 7 月、東京)
 15. 勢戸和子、原田哲也、田口真澄、伊豫田淳：Non-O157 STEC の検査法—大阪府公衛研の経験を中心に—。第 20 回腸管出血性大腸菌感染症研究会 (2016 年 11 月、富山)
 16. 田口真澄、河原隆二、原田哲也、勢戸和子：腸管出血性大腸菌の薬剤耐性動向。第 20 回腸管出血性大腸菌感染症研究会 (2016 年 11 月、富山)
 17. 勢戸和子、原田哲也、若林友騎、伊豫田淳：EHEC O165 選択分離培地の検討。第 21 回腸管出血性大腸菌感染症研究会 (2017 年 11 月、鹿児島)
 18. Hiroaki Shigemura, Koichi Murakami, Tamie Noda, Mari Matsui, Satowa, Suzuki, Tsuyoshi Sekizuka, Makoto Kuroda, Nobuyuki Sera; Decrease in extended-spectrum cephalosporin-resistant *Salmonella* from chicken meats in Japan. International Union of Microbiological Societies (IUMS 2017)、15th International Congress

of Bacteriology and Applied Microbiology (Singapore)

19. 濱崎光宏、市原祥子、中山志幸、世良暢之、吉田弘；環境水中の腸管系ウイルス量と感染症発生動向調査事業における患者報告数との関連について．第 76 回日本公衆衛生学会総会（2018 年 10 月，鹿児島県）
20. 吉田弘、滝澤剛則、小澤広規、高橋雅輝、筒井理華、中田恵子、濱崎光宏、世良暢之、堀田千恵美；環境サーベイランスによるポリオウイルス検出時の課題．第 76 回日本公衆衛生学会総会（2018 年 10 月，鹿児島県）
21. 江藤良樹、重村洋明、世良暢之；原因不明食中毒疑い事例の患者糞便からの多殻目粘液胞子虫遺伝子の検出状況について．第 38 回日本食品微生物学会学術総会（2017 年 10 月，徳島県）
22. カール由起、重村洋明、中山志幸、村上光一、世良暢之；肉用鶏、鶏肉及びヒトから分離した *Campylobacter jejuni* の薬剤耐性状況について 第 10 回日本カンピロバクター研究会総会（2017 年 11 月，宮崎県）
23. 濱崎光宏、中山志幸、世良暢之、上野詩歩子、梅崎みどり；保育所で発生した腸管出血性大腸菌 026:H11 による集団感染事例-福岡県．第 91 回日本細菌学会総会（2018 年 3 月，福岡県）
24. 江藤良樹、濱崎光宏、世良暢之；福岡県で分離された稀な血清型の志賀毒素産生性大腸菌が保有する志賀毒素遺伝子の亜型について．第 91 回日本細菌学会総会（2018 年 3 月，福岡県）
25. カール由起、重村洋明、中山志幸、大

石明、村上光一、世良暢之；福岡県における鶏肉及びヒトから分離した *Campylobacter jejuni* の薬剤耐性状況について 第 91 回日本細菌学会総会（2018 年 3 月，福岡県）

H. 知的財産権の出願・登録状況

1. 特許取得

なし

2. 実用新案登録

なし

3. その他

腸管出血性大腸菌 0157 IS-printing system エキストラバンド集（2018 年 3 月作成）